Residues 1-172 fused to 990-1178 from SEQ ID NO:29, reverse-translated and aligned with Cao 2005/0084850 SEQ ID NO:5

```
<!--StartFragment-->RESULT 5
US-10-347-669-5
; Sequence 5, Application US/10347669
; Publication No. US20050084850A1
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Cao, Li
;   TITLE OF INVENTION: BONE MARROW SECRETED PROTEINS AND POLYNUCLEOTIDES
;   FILE REFERENCE: 1458.004/200130.449
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/347,669
;   CURRENT FILING DATE:  2003-01-16
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/212,440
;   PRIOR FILING DATE: 1998-12-16
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 46
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 3.0
; SEQ ID NO 5
;   LENGTH: 1610
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: human
US-10-347-669-5

Alignment Scores:
Pred. No.:            2.73e-59       Length:          1610
Score:               1833.80        Matches:         360
Percent Similarity:  96.5%          Conservative:    0
Best Local Similarity: 96.5%        Mismatches:      1
Query Match:         99.1%          Indels:          12
DB:                  11             Gaps:            1

US-09-830-972A-29FUSA (1-361) x US-10-347-669-5 (1-1610)


Qy          1 MetGluAspLeuAspGlnSerProLeuValSerSerSerAspSerProProArgProGln 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        132 ATGGAAGACCTGGACCAGTCTCCTCTGGTCTCGTCCTCGGACAGCCCACCCCGGCCGCAG 191


Qy         21 ProAlaPheLysTyrGlnPheValArgGluProGluAspGluGluGluGluGluGluGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        192 CCCGCGTTCAAGTACCAGTTCGTGAGGGAGCCCGAGGACGAGGAGGAAGAAGAGGAGGAG 251


Qy         41 GluGluGluAspGluAspGluAspLeuGluGluLeuGluValLeuGluArgLysProAla 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        252 GAAGAGGAGGACGAGGACGAAGACCTGGAGGAGCTGGAGGTGCTGGAGAGGAAGCCCGCC 311


Qy         61 AlaGlyLeuSerAlaAlaProValProThrAlaProAlaAlaGlyAlaProLeuMetAsp 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        312 GCCGGGCTGTCCGCGGCCCCAGTGCCCACCGCCCCTGCCGCCGGCGCGCCCCTGATGGAC 371


Qy         81 PheGlyAsnAspPheValProProAlaProArgGlyProLeuProAlaAlaProProVal 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        372 TTCGGAAATGACTTCGTGCCGCCGGCGCCCCGGGGACCCCTGCCGGCCGCTCCCCCCGTC 431


Qy        101 AlaProGluArgGlnProSerTrpAspProSerProValSerSerThrValProAlaPro 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        432 GCCCCGGAGCGGCAGCCGTCTTGGGACCCGAGCCCGGTGTCGTCGACCGTGCCCGCGCCA 491


Qy        121 SerProLeuSerAlaAlaAlaValSerProSerLysLeuProGluAspAspGluProPro 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        492 TCCCCGCTGTCTGCTGCCGCAGTCTCGCCCTCCAAGCTCCCTGAGGACGACGAGCCTCCG 551


Qy        141 AlaArgProProProProProProAlaSerValSerProGlnAlaGluProValTrpThr 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        552 GCCCGGCCTCCCCCTCCTCCCCCGGCCAGCGTGAGCCCCCAGGCAGAGCCCGTGTGGACC 611
```

```
Qy       161  ProProAlaProAlaProAlaAlaProProSerThrSer-------------------- 173
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       612  CCGCCAGCCCCGGCTCCCGCCGCGCCCCCCTCCACCCCGGCCGCGCCCAAGCGCAGGGGC 671

Qy       174  ---------------ValValAspLeuLeuTyrTrpArgAspIleLysLysThrGlyVal 188
                             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       672  TCCTCGGGCTCAGTGGTTGTTGACCTCCTGTACTGGAGAGACATTAAGAAGACTGGAGTG 731

Qy       189  ValPheGlyAlaSerLeuPheLeuLeuLeuSerLeuThrValPheSerIleValSerVal 208
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       732  GTGTTTGGTGCCAGCCTATTCCTGCTGCTTTCATTGACAGTATTCAGCATTGTGAGCGTA 791

Qy       209  ThrAlaTyrIleAlaLeuAlaLeuLeuSerValThrIleSerPheArgIleTyrLysGly 228
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       792  ACAGCCTACATTGCCTTGGCCCTGCTCTCTGTGACCATCAGCTTTAGGATATACAAGGGT 851

Qy       229  ValIleGlnAlaIleGlnLysSerAspGluGlyHisProPheArgAlaTyrLeuGluSer 248
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       852  GTGATCCAAGCTATCCAGAAATCAGATGAAGGCCACCCATTCAGGGCATATCTGGAATCT 911

Qy       249  GluValAlaIleSerGluGluLeuValGlnLysTyrSerAsnSerAlaLeuGlyHisVal 268
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       912  GAAGTTGCTATATCTGAGGAGTTGGTTCAGAAGTACAGTAATTCTGCTCTTGGTCATGTC 971

Qy       269  AsnCysThrIleLysGluLeuArgArgLeuPheLeuValAspAspLeuValAspSerLeu 288
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       972  AACTGCACGATAAAGGAACTCAGGCGCCTCTTCTTAGTTGATGATTTAGTTGATTCTCTG 1031

Qy       289  LysPheAlaValLeuMetTrpValPheThrTyrValGlyAlaLeuPheAsnGlyLeuThr 308
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1032  AAGTTTGCAGTGTTGATGTGGGTATTTACCTATGTTGGTGCCTTGTTTAATGGTCTGACA 1091

Qy       309  LeuLeuIleLeuAlaLeuIleSerLeuPheSerValProValIleTyrGluArgHisGln 328
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1092  CTACTGATTTTGGCTCTCATTTCACTCTTCAGTGTTCCTGTTATTTATGAACGGCATCAG 1151

Qy       329  AlaGlnIleAspHisTyrLeuGlyLeuAlaAsnLysAsnValLysAspAlaMetAlaLys 348
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1152  GCACAGATAGATCATTATCTAGGACTTGCAAATAAGAATGTTAAAGATGCTATGGCTAAA 1211

Qy       349  IleGlnAlaLysIleProGlyLeuLysArgLysAlaGlu 361
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1212  ATCCAAGCAAAAATCCCTGGATTGAAGCGCAAAGCTGAA 1250
<!--EndFragment-->
```